

Den store guide til BigY

Af Anders Mørup-Petersen

Version af 18. marts 2019

Den nyeste version af dette dokument kan altid findes på www.morup-petersen.dk/BigY.pdf

Denne guide er skrevet for at de danskere, der beslutter sig for at tage en BigY hos FTDNA kan komme i gang med at forstå og benytte deres resultat. Det er forfatterens store håb at vi får mange flere BigY på danske mandelinjer, så vi alle får flere matches, mere information om vores slægt før de skriftlige kilders tid og med tiden et yngre og mere komplet dansk haplotræ til glæde for alle nuværende og fremtidige testere.

Artiklen forudsætter, at man har det basale omkring DNA og især Y-DNA på plads. Til gengæld er den med vilje skrevet i så simpelt et sprog som muligt - formålet er at komme godt i gang. Når begreberne er på plads, så er der rigtigt meget at læse på internettet, når man vil vide mere - det meste dog på engelsk.

Man kan med fordel læse denne guide *før* man bestiller en BigY, så man véd hvad man går ind til og på forhånd er klar over kompleksiteten og mængden af arbejde der skal til, før man får det fulde udbytte af sin BigY - der bliver bestemt ikke serveret noget på et sølvfad her! Til gengæld er mulighederne for at dykke ned i sin slægt før de skriftlige kilder umådeligt interessante.

Guiden kan ved første gennemlæsning virke overvældende, men den er også forsøgt skrevet som en meget komplet indgang til BigY testen hos FTDNA. Det anbefales at man i første omgang blot læser guiden igennem for at orientere sig om indholdet og så efterfølgende læser afsnittene, efterhånden som de giver mening. Der er normalt mindst 3 måneders ventetid fra en BigY er bestilt og til resultatet foreligger, så der er også god tid til at genbesøge denne guide i ventetiden...

Hvis du endnu ikke har besluttet dig for, om en BigY er noget for dig, så er det måske nemmest at starte med afsnittet "BigY og hvad så nu?", der viser hvad man kan bruge en BigY til.

Kort intro til Y-DNA og haplogrupper

BigY analyserer det mandlige Y-kromosom, som kun findes hos mænd og som mænd har arvet fra deres fars, fars, fars, fars... helt tilbage fra "Adam".

Der er ca. 59 millioner basepar (positioner) på Y-kromosomet, hvoraf de ca. 8½ millioner positioner vurderes at være brugbare til slægtsforskning. På hver af disse positioner kan man have en af de fire værdier A, G, C eller T. Man taler om en mutation, når der går noget i galt i overleveringen af DNA fra far til søn, så en af de 8½ millioner positioner f.eks. bliver til

et "A" hos sønnen i stedet for et "T" hos faderen. Disse mutationer kaldes "SNP'er" som udtales "snips".

Og da mænd udelukkende arver Y-DNA fra deres far (i modsætning til det autosomale DNA der blandes fra mor og far i hver generation), så vil **alle** efterkommere efter denne søn nu bære mutationen "A", i stedet for det "T" som alle andre har på denne position - sønnens Y-DNA ved jo ikke bedre!

Man kalder også en given mutation på en given position for "en allel" - f.eks. er værdien "A" på position 16604148 en allel, værdien "C" på samme position 16604148 er en anden allel og endeligt er samme værdi "C" på positionen 16502257 en helt tredje allel. I dette dokument bruger jeg dog begrebet SNP eller mutation.

Når mere end én person er testet positiv for den samme mutation så taler man om en haplogruppe - indtil da er der tale om en "privat SNP", altså en mutation som *indtil videre* kun er set hos denne ene tester.

Hvordan opstår haplogrupper?

Når man tester Y-DNA hos tilstrækkeligt mange mænd, kan man opbygge et stamtræ for alle mænd på jorden - jeg gentager lige et eksempel fra en tidligere artikel:

Vi forestiller os en ø, hvor der bor ganske få mennesker, og disse har været uden kontakt med omverdenen i generationer. Vi DNA-tester tre mænd på øen og finder følgende mutationer:

- Mand 1: A, B, C og D
- Mand 2: C, E og F
- Mand 3: B, C, D og G

Vi kan nu konstatere, at alle tre testere har mutation C, så den må være ældst og stamme fra en fælles forfader for alle tre mænd.

C er altså en haplogruppe (= mere end én person har mutation C) og alle tre mænd tilhører denne haplogruppe.

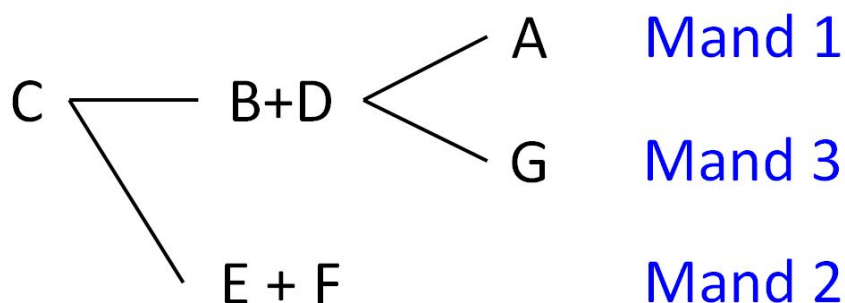
Mand 1 og 3 har begge mutation B og D, så de må have en fælles forfader efter at de adskilte sig fra den fælles forfader med mand 2.

B og D danner nu en ny haplogruppe, hvor mutation B og mutation D er "equivalente" (lige gode) - dvs. at vi på nuværende tidspunkt ikke véd om det var mutation B eller D, der skete først.

Mand 1 er den eneste der har mutation A, mand 2 er den eneste med mutation E og F og mand 3 er den eneste med mutation G.

Dermed er mutationerne A, G, E og F alle fire "private SNP'er".

Hermed kan vi nu lave en fin "stamtavle" - helt uden skriftlige kilder:



Skulle vi en dag teste en 4. mand som er positiv for D, men ikke for B, så vil vi vide at mutation D er ældre end mutation B og haplogruppen der før indeholdt mutationerne B+D vil blive splittet i en haplogruppe D som er ældre end den nydannede haplogruppe B.

Ligeledes hvis vi en dag tester en mand, der har mutation E, men ikke mutation F. Det vil løfte den private SNP "E" hos mand 2 til en ny offentlig haplogruppe E og mand 2 vil nu kun have mutation F tilbage som en privat SNP.

Jeg vil lige indskyde at der ikke er nogen "kvalitetsforskel" på private SNP'er og så haplogrupper - de er helt lige gode! Jeg sammenligner haplogrupper med "kort på bordet" og private SNP'er med "kort i hånden" til brug senere i spillet (til at danne nye haplogrupper). Man kan næsten altid lave alle sine private SNP'er om til haplogrupper ved at BigY teste sin bror, men det lærer man ikke selv meget nyt af - med mindre det viser sig at man ikke har samme far!

Hvor tit dannes SNP'er?

Videnskaben er nogenlunde enig om, at der sker en mutation (dannes en ny SNP) for ca. hvert 150. år, svarende til en ny SNP for ca. hver 6. generation. Men det er en statistisk betragtning og man skal huske at hver eneste SNP er dannet mellem en far og hans søn, så nogle vil opleve at have en SNP dannet i én generation og andre vil opleve at der ikke er dannet én eneste ny SNP i mange generationer. Sammenlign med en terning, hvor en sekser svarer til en ny SNP, hvilket jo passer meget godt med 1/6 sandsynlighed for en ny SNP pr. generation. Her vil nogle jo opleve at få en sekser i første forsøg (sønnen har fået en helt ny mutation), mens andre skal slå mange gange før det lykkedes - faktisk vil 1% af dem der forsøger, være nødt til at slå mindst 25 gange for at få en sekser¹.

Det er dog påvist at sandsynligheden for en mutation stiger, jo ældre faderen er på barnets undfangelsestidspunkt.

Men hvis man som tommelfingerregel regner med én SNP i snit pr. 6 generationer eller 150 år, så forstår man det tidsperspektiv vi kigger på, når vi arbejder med BigY.

¹ Fordi $(1 - \frac{1}{6})^{25} = 1,05\%$

Navngivning af haplogrupper

Da videnskaben startede med at undersøge haplogrupperne, havde man slet ingen idé om, hvor utroligt mange haplogrupper man ville finde, så man gav dem nogle bogstaver som A, B, C, D osv. Da antallet af opdagede underliggende haplogrupper hurtigt blev større, så fastsatte man nogle gode korte og ret tørre navne som I-M253, R-P312 osv. Da de private testfirmaer og analysefirmaer senere kom ind på scenen, fik de lov til at navngive nyopdagede haplogrupper med deres egne navneserier - f.eks. starter alle de haplogrupper som er fundet af FTDNA med BY (for BigY) og så et løbenummer (f.eks. BY3604), firmaet Yseq har serien A og så et løbenummer (f.eks. A14808) og Yfull har serien Y og et løbenummer (f.eks. Y31204). Når man anmelder en nyopdaget haplogruppe til ISOGG.org, så får man lov til at navngive den med "sit" navn i samme omgang, så der har altid været en vis konkurrence mellem selskaberne om at komme først til ISOGG med nye mutationer.

Dette fungerede godt i nogle år, men efter at antallet af BigY og andre store tests er eksploderet de sidste år, så har ISOGG.org slet ikke kunne følge med. Så når man tager en BigY, straks derefter uploader resultatet til Yfull og måske lige bestiller en single SNP test på sin onkel hos Yseq, så forsøger alle tre firmaer at registrere den samme haplogruppe på samme tid - og de nedværdiger sig naturligvis ikke til at bruge konkurrentens navn, hvis de mener at de kom først. Dermed er situationen nu den, at en del nye haplogrupper har 2 eller flere navne, alt efter hvor man søger henne.

Før i tiden var der konsensus om, at man først registrerede en SNP/haplogruppe når mindst to personer var testet for den og der reelt var dannet en haplogruppe. For et par år siden begyndte Yfull dog at registrere **alle** nye SNP'er som de fandt i de resultater de analyserede som Yfulls fund (Y-haplogrupper). Da FTDNA meget imod deres vilje indirekte leverer over 90% af prøverne til Yfull, så ville de naturligvis ikke finde sig i dette ret længe, så i 2018 begyndte FTDNA også at registrere alle nye SNP'er, som de opdager som BY-haplogrupper.

Ækvivalens

Ovenfor blev "ækvivalens" kort berørt - altså at en haplogruppe består af flere SNP'er. Det er nemlig langt fra altid at én haplogruppe består af én SNP. I mange tilfælde indgår der mange SNP'er i den samme haplogruppe (som eksemplet med B+D ovenfor) og man kalder så alle de SNP'er der indgår i haplogruppen for "ækvivalente" - lige gode.

F.eks. så består den mest almindelige haplogruppe i Danmark I-M253 af over 300 SNP'er - der er altså ikke fundet en eneste mand under I-M253 (indtil videre) som kun har nogle af disse SNP'er - når man er I-M253 så har man dem alle sammen og de 300 SNP'er er dermed ækvivalente for I-M253. Man har så valgt én af SNP-positionerne til at repræsentere I-M253 (det er position 12910796), men man kunne lige så godt have valgt en anden af de 300 positioner. Og indtil en BigY en dag måtte splitte denne enorme haplogruppe i to, så antager man, at alle der har mutationen på position 12910796 også er I-M253+

Men på de nyere haplogrupper er der lidt mindre enighed om, hvilken SNP der præsenterer haplogruppen, så her vil man opleve at ét firma (FTDNA, Yfull eller andre) omtaler haplogruppen ved én navngiven SNP imens andre omtaler det ved et andet navn, hvilket mindst talt gør det hele lidt forvirrende!

De forskellige haplotræer

Der findes flere forskellige haplotræer på nettet. FTDNA har sit eget "Block Tree", Yfull har deres haplotræ og for haplogruppen R-P312 findes det flotte Ytree.net. Men de er ikke ens - især ikke på de nederste, yngste grene!

Det skyldes, at de hver især kun laver de grene som de har data til. Den største kilde til Y-DNA prøver er fortsat FTDNA, der med deres BigY står for antaget 90% af markedet. FTDNA har dermed typisk det bedst forgrenede haplotræ, hvorimod Yfull har et lidt mindre haplotræ da de kun har information om de DNA-tests, som testerne selv har sendt ind til Yfull og efterfølgende betalt 49\$ for at få med. Dermed mangler Yfull en del af de yngste grene på træet, hvilket er lidt trist, da Yfull samtidigt beregner alderen på de enkelte haplogrupper ud fra de DNA-tests, som de kun har adgang til.

Den store forvirring

BigY og haplogrupper er komplicerede nok i sig selv, så det er ærgerligt at der også skal være rod omkring navngivningen af haplogrupperne, men det er vilkårene - man skal vænne sig til, at der på de yderste grene af Y-haplotræet gælder at "kært barn har mange navne".

Læg dertil at der ikke er sammenhænge mellem haplogruppens navn eller nummer og dens placering i træet - dog med den tommelfingerregel at haplogrupper med korte navne (f.eks. R-U106) normalt ligger højere i træet end haplogrupperne med lange navne (f.eks. R-Y31256).

Der er dog så meget orden i navngivningen, at det samme navn kun optræder under én overordnet haplogruppe - der findes således ingen "I-U106"...

Det første bogstav ("R-" eller "I-") er i øvrigt "frivilligt" men angives ofte hvis man omtaler flere af de overordnede haplogrupper på samme tid. Er man derimod enig om, at man omtaler haplogruppe R, så skriver man ofte bare U106 eller Y31256.

Men fortvivl dog ikke - når BigY resultatet foreligger, så bliver man placeret i sit eget lille hjørne af haplotræet og skal blot bruge en smule tid på at finde sin haplogruppe hos Yfull og måske Ytree og derfra véd man så, hvor man hører hjemme og snart derefter kan man også orientere sig i de relevante nærliggende grene - uanset navneforvirring og manglende sidegrene.

BigY versus Y37, Y67 og Y111

Tidligere var det mest almindeligt at bruge de såkaldte STR-tests som Y12, Y25, Y37, Y67 og Y111 til slægtsforskning i den mandlige linje. Men hvad er forskellen på disse og så BigY?

En STR ("short tandem repeat") er også en mutation i Y-DNA, men den er lidt anderledes. Her er det en mutation der sker, når kopimaskinen "hakker" og gentager en sekvens et antal gange - f.eks. er der et bestemt sted i alle mænds DNA hvor sekvensen ATTAAG gentages et antal gange, så nogle har ATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG (6 gentagelser) imens andre har ATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG (7 gentagelser). Disse positioner har alle et navn (f.eks. "D7S280") og man giver dem så en værdi alt efter hvor mange gentagelser testpersonen har - i eksemplet ovenfor har den første værdien "6" og anden værdien "7" for den pågældende (fiktive) STR værdi.

Problemet med disse STRs er, at de hopper frem og tilbage - man kan godt have 6 gentagelser, selvom ens far havde 7 gentagelser og ens søn kan godt få 5 gentagelser eller 7 eller 8 gentagelser. Mutationerne sker nu relativt sjældent, men pointen er, at de hopper frem og tilbage, hvorimod de SNP'er der testes med BigY i 99,999% af tilfældene kun ruller fremad - SNP'er er altså langt mere troværdige i slægtsforskningen!

I en anden amatør-artikel har jeg læst en fin sammenligning, hvor STR-værdier sammenlignes med et luftfoto af sandklitter i en ørken og SNP'er med et luftfoto af nogle klipper i en ørken. Hvis man skulle beslutte om to forskellige luftfotos (to tests) viste det samme område, så ville de fleste nok synes, at det var sikrere at tage beslutningen ud fra billedet af klipperne frem for billedet af sandklitterne.

Der kendes nu over 700 af sådanne STR-steder i vores fælles Y-DNA, men i starten testede man kun for 12 (Y12), senere 25 (Y25) og nu er Y37 den mindste test man kan købe. Man har desværre fundet ud af, at nogle af de STR positioner man testede i de første tests var meget ustabile, så matches på Y12 og Y25 niveau er i bedste tilfælde kun "vejledende". Y37 er noget bedre og når man op på Y67 og Y111 matches så viser efterfølgende SNP-tests ofte at slægtskabet findes.

Når man tager en STR test så får man en "genetic distance" til andre testere, som er antallet af gentagelser man har til forskel på det testede niveau. Jo højere STR niveau begge har testet og jo flere gentagelser, der er ens, jo større sandsynlighed for at man er i nær slægt på den fædrene linje. Men en STR-test siger kun noget om sandsynligheden for et slægtskab, hvorimod en SNP-test som BigY *entydigt* viser i hvilken rækkefølge testpersonerne er i slægt.

Hvorfor findes der så STR-tests og hvorfor bruges de fortsat? For det første af historiske årsager - det var de første "betalelige" Y-DNA tests på markedet og dem der startede med

Y-DNA for flere år siden gjorde det på baggrund af (på det tidspunkt dyre!) STR-test. Man kan godt lave sandsynlige stamtræer for nær slægt med STR tests og de personer, der har brugte penge og tid på disse STR-træer er ikke så villige til at forkaste det meste af deres tidligere arbejde og sadle om til BigY tests.

For det andet så er STR-tests som Y37 fortsat noget billigere end BigY og de er trods alt fortsat anvendelige til at opspore fjerne slægtning i den mandlige linje - noget som f.eks. bruges af begyndere, der har en ukendt far et sted i deres fædrene linje.

Og endeligt så er STR-værdier fortsat et godt supplement til SNP-værdier, da STR-værdierne muterer hurtigere end SNP-værdierne og dermed af de særligt engagerede forskere kan bruges til at se hvad der er sket i generationerne mellem SNP-mutationerne.

Jeg er ret sikker på at hvis STR-tests og BigY var kommet på markedet på samme tid og til en nogenlunde sammenlignelig pris, så ville kun de særligt interesserede bruge STR-test som et supplement til BigY tests.

Som BigY tester får man i dag heldigvis et komplet Y111 resultat med i sin BigY og FTDNA arbejder lige nu på at fiske yderligere op til 700 STR værdier ud af BigY resultatet - dog kun med garanti for at de finder de første 111 værdier. Og som BigY tester er STR-testen fortsat værdifuld, da man med denne kan finde STR-matches blandt de tidligere testere, som man måske kan overtale til en BigY - mere om det senere!

Hvorfor er BigY så dyr?

Når man i dag kan teste for en enkelt mutation for under 130 kroner hos Yseq, hvorfor koster en BigY så fortsat lige omkring 3.000 kroner når den er på tilbud?

Og hvorfor ikke bare tage en SNP-pack hos FTDNA eller et SNP-panel hos Yseq (som er bedre og billigere end SNP-packs hos FTDNA)?

Forklaringen er simpel - single SNP tests og SNP-packs tester på allerede kendte mutationer, som kun er fundet fordi andre har taget BigY eller lignende tests. Vi kender altså på forhånd positionen for mutationen på Y-DNA'et og hvor den hører til i menneskehedens store haplotræ. For at teste for haplogruppe I-M253 så skal man bare kigge på Y-DNA position 12910796 og se om der står "T" i stedet for "C" her - så er testpersonen I-M253+. Det koster her i starten af 2019 åbenbart under 130 kroner.

En SNP-pack er bare en variation af ovenstående, hvor man starter i toppen (f.eks. I-M253) og så tester ned gennem det kendte haplotræ.

Men det som BigY gør, er at finde både de kendte mutationer, men også de mutationer som kun findes hos dig (indtil videre). For at gøre dette, så er man nødt til at kigge på alle 8½+ millioner relevante positioner - vi ved jo ikke på forhånd hvor på Y-DNA disse mutationer ligger - og det koster en del mere! Men prisen på BigY falder og falder og prisforskellen fra

en Y37 + et par FDTNA SNP-packs (for én er nemlig ikke nok) og så op til en BigY er efterhånden marginal.

Populært kan man sige at SNP-packs kun følger de kendte grene og kviste på haplotræet, hvorimod BigY finder de nye grene og kviste, som andre så senere kan følge + de yderste blade på haplotræet, som kun findes hos den tester og hans nærmeste slægtninge.

En single SNP-test koster meget lidt, fordi den svarer til at man spørger om "Jens Hansen, Æblevej 33 i Nyborg" er hjemme eller ej. BigY svarer til en hel folketælling af alle danskere med navn og adresse på alle borgere.

Hvem bør man teste?

Når vi snakker autosomale DNA-tests, som f.eks. FamilyFinder, så er tommelfingerreglen altid "de ældste først".

Ved BigY bør man faktisk starte med den yngste generation først - du har med sikkerhed alle de mutationer som din far har - og måske en mere. Har du en søn, så har han alle mutationer som du har - og måske en mere. Man får altså "mest for pengene" ved at teste yngste generation som den første. Det er dog ikke vigtigere end at man roligt kan teste sig selv - pointen er at man som mand ikke behøver overtale andre for at få den optimale første BigY test.

En lille faktor er også, at en BigY er en dyr og kompliceret test og kvaliteten af resultatet bl.a. afhænger af alderen på testpersonen - jo ældre, jo større risiko for en dårlig kvalitet i resultatet. Derfor endnu et argument for ikke at teste sin far.

Som kvinde kan man måske ønske at teste sin far, men hvis han ikke lever så er ens biologiske bror lige så god. Det kan også være, at man havde en tipoldefar med en spændende familiehistorie og hvis ellers han har en nulevende sønnesøn (eller en søn af denne) så kan man teste ham og få et lige så godt resultat, som hvis man havde kunnet teste sin tipoldefar - hvis bare man er sikker på at det er en biologisk efterkommer man tester. Af samme årsag er det et godt tip at starte en sådan "fjerntest" med en FamilyFinder, så man lige er helt sikker på at det er en biologisk slægtning som man har fat i!

Giver BigY overhovedet mening, hvis man er en kvinde - man derfor ikke kan teste på sig selv? Jeg mener bestemt ja - jeg har BigY testet mig selv, min morfar (gennem en fætter til min mor) og min oldefar (gennem en grandfætter til min mor). De to sidste er personer, hvis Y-DNA jeg ikke bærer i mig selv, men testen er mindst lige så spændende, så jeg ser ingen grund til at man som kvinde ikke skulle kunne få noget ud af at BigY teste sin far (eller sin bror), selvom man ikke selv bærer dette Y-DNA.

Selve testen

BigY bestilles når man er logget på det kit, som man vil teste på. Testens pris taget i betragtning, så er det en god idé at dobbeltchecke at man står på det rigtige kit, såfremt man administrerer flere kits.

Hvis man ikke kan bestille Y-DNA tests og BigY på det pågældende kit, så er det nok fordi man har angivet kønnet til at være en kvinde - enten står man på det forkerte kit eller også må man skrive til FTDNA og få dem til at rette kønnet til mand.

BigY listeprisen er meget høj, så det kan bestemt betale sig at vente til der er tilbud på BigY, hvor der er mærkbare besparelser. Dette sker normalt mindst et par gange om året og det er værd at vente på hvis man ser på hvor meget man kan spare og hvor meget ventetid man alligevel vil opleve senere (mere om det nedenfor).

Fra testen er bestilt og til resultatet foreligger kan der gå alt fra 6 uger til 10 måneder. Ventetiden er normalt ekstra lang, hvis man bestiller sidst i en periode med tilbud på BigY, men al erfaring siger at ventetiden er ret tilfældig og at man må væbne sig med tålmodighed. Her i foråret 2019 påstår FTDNA dog, at de introducerer en ny teknologi, der vil skære procestiden for BigY betydeligt ned, men jeg vil se det, før jeg tror på det!

Ventetiden kan med fordel fordrives med at gøre en ekstraordinær indsats for at skubbe sin fædrene linje en generation eller to længere tilbage via en traditionelle slægtsforskning - det er jo kun én linje, der er i fokus. Efterfølgende kan man prøve at opspore nulevende slægtninge i lige mandlig linje efter alle ens aner i den fædrene linje - de kan blive relevante senere. Her er det især godt, hvis man kan spore en anden nulevende mandelinje efter den ældst mulige fædrene ane, da man kan bruge denne person til at bekræfte hele ens fædrene linje tilbage til den fælles ane - mere om det senere.

Cirka halvvejs i processen kommer Y111 resultatet og her får man allerede et praj om, hvor mange potentielle BigY matches man har.

Husk at den bedste måde at prioritere sine Y111 matches er at se på "genetic distance" (GD) for alle sine Y111 matches - jo mindre GD, jo bedre match. Derefter kigger man på sine Y67 matches - blot så kan man her se bort fra de Y67 matches, der har taget Y111 - fremgår de ikke som matches på Y111 trods Y111 test, så er de knap så relevante. Gentag for Y37 (men se bort fra Y37 matches, der har taget Y67 eller Y111).

De matches der derefter har det mindste GD-tal på det højeste testniveau, som de har testet, er sandsynligvis de mest relevante at kontakte. Man skal dog forvente at den fælles forfader i mange tilfælde fortsat ligger (længe) før de skriftlige kilder - sådan er det med Y-DNA.

Læg også mærke til at der står "Big Y - 700" ud for de STR-matches som har taget BigY - det er desværre endnu et fåtal af STR-testerne der har det, men hvis man har et Y67 eller

Y111 match der har taget BigY, så ved man på forhånd at man med stor sikkerhed har et godt BigY match, når BigY resultatet endeligt foreligger!

Husk at angive data om fjerneste forfader!

Vi ved alle, hvor irriterende det er at have matches, hvor tester ikke har nogen stamtavle, men har du husket at angive din fjerneste forfader hos FTDNA? Det er nemlig *ikke* gennem upload af en Gedcom fil at dette sker - det skal gøres manuelt således:

1. Log ind på FTDNA og find "Account settings" ved at holde musen over din konto helt oppe til højre.
2. Vælg "Genealogy" og så "Earliest Known Ancestors".
3. Klik på "Update location" (spring i første omgang de to felter under "Direct Paternal Ancestor" over) og derefter "Edit location" ud for "Paternal location" i bunden af kortet.
4. Tryk endnu engang "Update paternal location" på det lille skærmbillede.
5. Du behøver ikke at udfylde feltet "Paternal information" her - det bliver alligevel ikke gemt! Tryk i stedet blot "Next".
6. På det næste vindue er det nemmest bare at søge på sognet - f.eks. "Allinge". Tryk "Search" og se om ikke "Nålen" placeres korrekt (zoom evt. ind på kortet). Den behøver ikke lige at pege på fødehjemmet for den fjerneste kendte ane - bare den er placeret i det rigtige sogn er det fint!
7. Tryk "Select", hvis placeringen er korrekt. Der vises nu et nyt vindue med den tekst der vil blive vist for forfaderen ("3770 Allinge, Danmark"). Denne hentes fra Google Maps og jeg plejer at fjerne postnummeret - det er ikke relevant.
8. Tryk "Save an exit"
9. **Nu** kan man så angive data for sin fjerneste kendte (sikre!) ane i lige mandlig linje i feltet "Direct Paternal Ancestor" - f.eks. "Soren Hansen, ~1645 - 1708, Allinge" og "Country of Origin" (f.eks. "Denmark").

Ja - det er ikke så fikst, men det virker til sidst!

Nu kan ens matches se disse informationer på oversigterne over matches osv. Det er en rigtig god idé at gøre det på forhånd, for i samme øjeblik ens Y111 og senere BigY resultater ligger klar, så sendes der en mail til ens matches og mange kigger med det samme for at se, om det er et "brugbart" match, så her skal data helst være synlige, hvis man vil fremstå som en seriøs DNA / stamtavle samarbejdspartner!

BigY resultatet kommer ind

På et tidspunkt får man en mail fra FTDNA om at resultatet af BigY foreligger. Er man særlig utålmodig, så kan man logge på dagligt og se, om der ligger et resultat, men det er faktisk først når man modtager mailen at resultatet er endeligt. Logger man på et par dage før at resultatet er endeligt kan man risikere og se nogle data, der enten er helt forkerte eller kun er delvist behandlet - det har snydt mere end én BigY tester. Så lad være med at bruge tid på et BigY resultat, der ikke er meldt klart - det er et spørgsmål om ganske få dage.

Når resultatet er klart, så vil man oppe til højre på sin FTDNA forside kunne se et ikon med "Y-DNA haplogroup" med den mest detaljerede haplogruppe, som FTDNA lige nu kan indplacere testpersonen i. Har man tidligere taget f.eks. Y37 så vil man se at denne haplogruppe nu er ændret fra en meget overordnet haplogruppe til en mere detaljeret haplogruppe.

Samtidigt får man adgang til følgende fire BigY faner:

BigY results

Denne fane viser de SNP'er og de haplogrupper som man er testet positiv for. Bemærk at der er 5 filtre:

- **SNP name** - her kan man søge på en bestemt SNP/haplogruppe og se om ens BigY har testet positiv eller negativ for denne - eller om den overhovedet er blevet testet i prøven (mere om kvalitet senere!)
- **Derived** som er et filter som kan bruges til at sortere på alle kendte SNP'er/haplogrupper eller kun dem, som man er positiv for. Den står som udgangspunkt til kun at vise de SNP'er/haplogrupper som man er positiv for, hvilket er uheldigt, hvis man vil se hvorfor man ikke er testet positiv for en bestemt haplogruppe, som man måske havde forventet. Derfor er det en god idé at sætte den til "Show all" hvis man skal dybere ned i sin test.
- **On Y-tree** viser blot om FTDNA bruger denne SNP/haplogruppe i sit eget træ - jeg har endnu ikke fundet nogen dybere mening med denne sortering, men hvis man skal arbejde med resultatet, så er det en god idé også at sætte denne til "Show all".
- **Reference** viser hvad der er den normale værdi på denne position (A, G, C eller T).
- **Genotype** viser hvad der er fundet i prøven - her skal den afvige fra "reference" før man har en mutation.

Sidens mest spændende funktion er den side, der kommer op, hvis man klikker på en SNP/haplogruppe i "SNP name" søjlen:



Tegningen ovenfor viser mit resultat for haplogruppe BY3604. Øverst kan man se at det er BY3604, som findes som et "A" på positionen 22355216 i Y-DNA, hvor det normale er et "G".

Nedenunder kan man så se mit resultat - her er jeg læst ca. 30 gange som "A" på denne position - altså afvigende fra normalen (og derfor med violet farve). Jeg er også læst som "A" **alle** gange og med høj kvalitet (angivet med mørke farvetoner), så det er ret troværdigt resultat for BY3604.

Da DNA læses både forlæns og baglæns i BigY testen skelnes der mellem "foreward read" og "reverse read", men det har ikke den store betydning her.

Unnamed variants

På denne side står ens private SNP'er og det er i bund og grund dem, som man har betalt for. Derfor er det på den ene side dejligt, hvis der står rigtig mange her, men jo flere der står, jo mere alene står man også i haplotræet, for det betyder jo at ingen andre er testet for disse SNP'er og med ca. 150 år pr. SNP så betyder f.eks. 10 "unnamed variants" at man lige nu er ca. 1.500 år fra den nærmeste anden BigY tester.

Men på siden med unnamed variants kan man se:

- **Position** er den pågældende private SNP'ers position på Y-DNA i Hg38 formatet - altså mutationens "adresse". Hg38 er en måde at opgøre adresserne på Y-DNA og i

2018 gik man fra det gamle Hg19 format til det nye Hg38 format. Man behøver dog kun at vide, at man nu overalt bruger Hg38 formatet og at mutationerne her er opgjort i Hg38 format.

- **Reference** er det som alle andre har på denne position (A, G, C eller T).
- **Genotype** er det, som man er testet til - her afviger man fra "reference", for ellers ville man jo ikke have en mutation

Også på siden over "unnamed variants" kan man klikke på positionen og se præcis hvad ens BigY har læst på disse positioner. Og igen er det naturligvis bedst med mange læsninger og helst af samme bogstav på positionen.

Matching

Fanen "matching" er nok den, som man åbner med størst spænding, for her fremgår det, om man matcher nogle på sin BigY. Nogle vil opleve slet ikke at have nogle matches og andre vil have mange matches - jeg har hørt om folk med over 50 BigY matches - og lige så mange med 0 matches!










FTDNA har dog taget en beslutning om, at man kun viser matches for personer, som maksimalt har en difference på 30 SNP'er - dette er meget vigtigt at forstå!

Det betyder, at man kun vil se personer som matches, hvis det er maks 30 SNP'er der adskiller én fra disse matches. Med ca. 150 år pr. SNP og da disse 30 SNP'er både skal dække tiden tilbage fra dig til en fælles forfader og så tiden frem til matchet igen, så svarer det nogenlunde til at man kun kan se personer som matches hos FTDNA, hvis den fælles forfader levede for højst $15 \times 150 = \text{ca. } 2.250$ år siden.

Dette kan lyde af meget, men vi er endnu få BigY testere globalt og heraf meget få i Danmark, så mange af os vil opleve at vi ikke har nogle matches inden for denne periode. Man er dog slet ikke fortabt uden matches - det skal vi nok komme tilbage til.

FTDNA har indført reglen af privatlivs-årsager - ud fra en tanke om, at hvis man ikke har en fælles forfader inden for ca. 2.000 år, så har man næppe så meget slægtsforskning at snakke om alligevel og det er vel egentligt et fair argument...

Her er matches på en BigY:

Match Name	Non-Matching Variants	Shared Variants	Match Date
<input type="text" value="Name Search"/>	<input type="text" value="SNP Name Search"/>		<input type="text" value="Match Date Search"/>
 Testers navn  	A19601, BY32755, Y24047, Y24055, Y24056, 10067705, 11718182, 11948518, 13000139, 14682720, 15972174, 19048053, 19323328, 19383212, 19526590, 20092599, 20282085, 23898649, 26389758	391662	11/22/2017
 Testers navn  	BY26773, BY42534, Y24047, Y24055, Y24056, 10067705, 11718182, 11948518, 13000139, 14682720, 15972174, 19048053, 19323328, 19383212, 19526590, 20092599, 20282085, 23898649, 26389758	386990	2/18/2018
 Testers navn  	7333718, 8109344, 8641426, 8643523, 10067705, 11718182, 13000139, 13759520, 14682720, 15349457, 15349458, 15972174, 19048053, 19323328, 19383212, 19526590, 20092599, 20282085, 23898649, 26389758	387778	2/9/2018

Ovenfor vises følgende informationer:

- Match name** er evt. foto og navn på tester. Ved at klikke på konvolutten kan man kontakte testpersonen (mail) og høre hvor langt tilbage og hvorfra hans fædrene linje kommer. Der er også mulighed for at skrive en privat kommentar ved at trykke på "taleboblen" - f.eks. "Svarer ikke på mail", "Ukendt tipoldefar, Chicago 1865" eller måske den heldige "Fælles ane er Jens Hansen, Kerteminde 1792-1871"
- Non-matching variants** er de SNP'er som man IKKE har til fælles med matchet - det er her, der maksimalt kan stå 30 SNP'er. Bemærk at disse SNP'er både er dine egne private SNP'er og matchets private SNP'er og afvigende haplogrupper rodet pænt sammen. Jeg er ikke gode venner med denne visning og bliver frustreret hver gang jeg forsøger at bruge den - her er Yfull så meget bedre!
- Shared variants** er antallet af SNP'er, som man har til fælles. Dette tal afhænger dog af kvaliteten af begge BigY (som vi vender tilbage til!) og det kan derfor ikke bruges til så meget.
- Match date** er den dato, hvor matchet blev fundet - i starten er det den dato ens BigY blev færdig, men med tiden vil der forhåbentligt dukke nye matches op og her kan man så finde de senest tilkomne - hvis man er så heldig at have så mange, at man ikke kan huske dem!

Block Tree

Med det nye Block Tree er det nu blevet meget nemmere at se, hvor man hører hjemme i det store haplotræ. Jeg har gemt det bedste til sidst, fordi vi lige skulle have begreberne på plads, men sådan ser det ud (uddrag):



Når man kommer ind på siden, så fremhæves ens egen placering som "Your branch". Er man så heldig at have BigY matches (indenfor de før omtalte 30 SNP'er) så er disse pænt placeret nederst på træet (her anonymiseret med blå farve).

For alle grene på træet kan man se nationaliteten på "fjerneste forfader" på de testere der er placeret i denne gren - det giver et godt overblik over, hvor i verden man har matches på de overliggende haplogruppe niveauer og kan allerede nu give et praj om, hvor ens fædre linje kan have levet igennem historien.

Cirklen med "Origins" viser det gennemsnitlige FamilyFinder "MyOrigins" resultat for de testere i haplogruppen, der også har taget en FamilyFinder ud over deres BigY. Men da autosomt DNA og Y-DNA viser vidt forskellige ting og over vidt forskellige tidsperioder, så mener jeg at det er groft vildledende i denne sammenhæng, så jeg anbefaler at man finder linket "Display options" oppe til højre og fravælger "Show origins" og i det hele taget ikke lader sig forvirre af disse cirkler..

Ovenover vises så haplogrupperne "nedefra og op" - altså med de yngste og mindste haplogrupper nederst og de ældre opad. Man kan se at mange haplogrupper (angivet som

“kasser”) har flere ækvivalente SNP’er - det er dem som fremtidige testere vil hjælpe med at bryde op i nye haplogrupper, så vi måske en dag ender med haplogrupper med kun én (eller ganske få) SNP’er. Bemærk at de ækvivalente SNP’er altid står i en tilfældig orden - ingen véd lige nu, hvilke der er ældst og hvilke der er yngst.

Den tyrkiske kasse med “Private variants” er meget relevant. Den angiver hvor mange private SNP’er som testerne under haplogruppen i gennemsnit har - og højden på “kassen” er i øvrigt proportionalt med dette tal. Med tommelfingerreglen om 150 år pr. SNP kan man få et groft estimat for, hvor mange år siden den fælles forfader levede - er der f.eks. 3 private SNP’er i gennemsnit, så tyder det på at den fælles forfader for alle testere under den samme tyrkiske kasse levede for ca. 450 år siden. Denne metode er noget mere raffineret hos Yfull, men den giver alligevel et godt bud på om der er en realistisk chance for at finde navnet på den fælles forfader.

Bemærk også den grå måleskala til venstre, der angiver hvor mange SNP’er der ligger i hver haplogruppe + de underliggende private SNP’er. Man kan igen gange tallet med 150 år og få et fornuftigt estimat på, hvor langt tilbage i tid man er.

Her kan man også se, at visse haplogrupper går længere “ned” på siden end andre (se f.eks. haplogruppe BY194812 på skærmbilledet ovenfor). Det er et udtryk for at nogle grene har flere SNP’er end andre grene, hvilket er naturligt, da SNP’er ikke opstår med præcis 150 års forskel men mere tilfældigt - nogle grene har derfor naturligt flere SNP’er end andre. Men da alle grene kommer fra én og samme fælles forfader (en fælles haplogruppe længere oppe i træet) som levede på et givent tidspunkt i historien, så må de pr. definition være lige gamle - ujævnheden i bunden af træet er altså et udtryk for den usikkerhed der er i antal generationer pr. SNP og dermed i aldersberegningen.

Man kan klikke sig op i træet ved at bruge menuen øverst på siden, der viser stien hele vejen op til den ældste og mest overordnede haplogruppe, ligesom man kan klikke på en enkelt “kasse” og zoome ind på den. På den måde kan man undersøge hele haplogruppe-stien fra én selv og op til “Adam” - den er god at have styr på, hvis man vil læse mere om sin haplogruppes historie!

Mister man overblikket kan man altid klikke på “Reset” for oven og komme tilbage til startbilledet.

Alt i alt en meget fin måde at vise haplotræet på!

Y-STR results

I 2018 begyndte FTDNA at fiske STR-værdier ud af deres BigY. I første omgang op til 500 værdier (BigY-500) og fra januar 2019 helt op til 700 værdier (BigY-700).

En BigY er ikke helt så effektiv til at teste STR-værdier som den inkluderede Y111, så de STR værdier der ligger over STR 111 bliver ikke altid fundet (nogle værdier er blanke) eller også er de behæftet med en vis usikkerhed. STR-værdierne 1 til 111 der læses i den inkluderede Y111 er altid *helt* sikre.

Jeg har ikke en klar idé om, hvad man kan bruge disse ekstra STR-værdier til, for alle der har disse ekstra STR-værdier har også taget en BigY og SNP'erne er langt mere entydige til at definere slægtens grene, idet disse ikke muterer frem og tilbage sådan som STR-værdierne gør.

Den eneste nytte jeg kan se af disse ekstra STR-værdier er, at de særligt interesserede kan kigge ind mellem SNP-værdierne, der jo i gennemsnit kun dannes for ca. hver 6. generation. Man kan altså med en del arbejde finde ud af, hvilke STR-værdier, der kendetegner to forskellige generationer i ens fædrende linje, der tilfældigvis har deler de samme SNP'er. Men dette må jeg anse for at være for absolutte DNA-specialister og giver måske mere mening i lande, hvor de skriftlige kilder er noget mere sparsomme.

Læs mere om din haplogruppe

Med sin mest detaljerede haplogruppe i hånden er det oplagt at finde mere information om den på nettet. Her skal man dog huske, at ens yngste haplogruppe måske blev opdaget for kun ½ år siden og indeholder tre personer, så der er næppe skrevet store artikler om den endnu!

Går man lidt op i træet, så er der lidt mere hjælp at hente. I mit eksempel ovenfor ville jeg derfor starte med at finde ud af, om R-Z33 er beskrevet nogle steder.

Eupedia.com har nogle rigtig gode artikler om de overordnede haplogrupper og nogenlunde opdaterede tegninger over haplotræet, så det er et godt sted at starte. Man skal dog huske at det er en privat hjemmeside (derfor også tungt reklamefinansieret) og at indholdet er udtryk for én persons opfattelse af virkeligheden. Dette til trods er det et rigtig godt sted at starte - bare man husker ikke at tage det som den endegyldige sandhed.

Man bør også kunne genfinde sin overordnede haplogruppe på Yfulls offentlige træ og se, hvor gammel haplogruppen vurderes at være. Med lidt held kan man gennemskue hvad ens underliggende haplogrupper hedder hos Yfull, selvom der også er en afvigelse i navngivningen af de yngre haplogrupper mellem FTDNA og Yfill. Laver man en mouse-over på f.eks. "+ 23 SNPs" på Yfull kan man se hvilke SNP'er der indgår i haplogruppen og måske finde det samme navn for de underliggende haplogrupper som FTDNA har givet dem.

Endeligt er det en god idé at melde sig ind i de af FTDNA's projekter, der passer til ens haplogruppe. Her er normalt projekter på alle haplogruppe-niveauer, men det vigtigste er det projekt som passer til ens nærmest mulige haplogruppe - også selvom den ofte er et stykke oppe i træet. Om man også vil deltage i projekterne for ens mere overordnede haplogrupper er en smagssag.

Men man skal være klar over at ens nærmeste haplogruppe samt Y111 resultatet bliver synlig for hele verden, når man deltager i et FTDNA projekt - dog vises testpersonens navn ikke, men det gør navn og land for den fjernest angivne ane. Men projekterne er en god kanal til at finde andre potentielle BigY matches senere, så jeg vil anbefale at man gør det.

Der er også lidt mere inspiration i afsnittet "BigY og hvad så nu?" > "Det store billede" i bunden af denne guide.

BigY kvalitet

Inden vi går videre, er vi nødt til at diskutere kvaliteten af et BigY resultat.

Kort fortalt, så gennemføres de fleste DNA tests ved at man "blender" Y-DNA og så i denne suppe "fisker" efter de enkelte stykker DNA, som man så aflæser.

Det betyder, at det er en smule tilfældigt, hvad der bliver aflæst og hvor mange gange hvert stykke DNA bliver aflæst.

Ikke alle positioner aflæses

Hvis man overfører sin BigY til Yfull kan man se, hvor mange positioner ens BigY har aflæst - det er ikke noget som FTDNA ser et stort behov for at offentliggøre. Her kan man se, at det i praksis kun er 85-95% af de relevante positioner på Y-DNA'et som bliver læst af en given BigY. Det er naturligvis forskelligt fra test til test, hvilke områder der ikke bliver læst - og om man er uheldig og har en dårlig test (85% læste positioner) eller en bedre test (95% læste positioner). Man kan dog selv hjælpe kvaliteten af en BigY godt på vej ved at være grundig når man tager testen og undgå meget gamle testere.

At man ikke får målt en position, der indeholder en kendt haplogruppe er sjældent et stort problem. For det første, så har mange haplogrupper jo ækvivalente SNP'ere og får man ikke lige målt den ene ækvivalente SNP, så får man måske målt den anden og så kan man fortsat konkluderes at være i denne haplogruppe. Selv for haplogrupper uden ækvivalente SNP'er eller med få ækvivalente SNP'er er der hjælp, hvis ingen af disse læses. Jeg er f.eks. i haplogruppe L2 > Z367 > Z34 > Z35 > BY3604 og skulle jeg være så uheldig kun at få læst positionerne for Z367 og for BY3604, men ikke for L2, Z34 og Z35, så vil både FTDNA og Yfull med sikkerhed være i stand til at placere mig korrekt i BY3604 og dermed indirekte i Z34 og Z35 også (kaldes "presumed positive" for Z34 og Z35).

Problemet med mangelfuld læsning er primært, at der kan ligge mange gode private SNP'er nede i de ulæste positioner, som dermed slet ikke bliver opdaget - hvis man f.eks. har fået 10 private SNP'er, men kun har fået læst 85% af positionerne, så ville man måske have haft 11-12 private SNP'er i alt, hvis alle positioner var blevet læst².

Disse SNP'er går man altså glip af, men efterhånden som haplotræet udvides vil nogle af dem kunne udledes som ækvivalente til SNP'er som man er testet positiv for, så skaden er ikke så stor, som man skulle tro.

² Regnes som $10 / 0,85 = 11-12$

Utilstrækkelige eller tvetydige læsninger

Når FTDNA betragter en position som "ikke læst" (jf. ovenfor) så er det dog ikke nødvendigvis fordi den ikke er læst af testen - den kan bare ikke være læst nok gange eller være læst tvetydigt.

FTDNA betragter kun en aflæsning som "sikker", hvis den samme position er læst til samme værdi mindst 10 gange. Yfull er lidt frækkere og godkender en SNP, hvis den er læst utvetydigt bare 5 gange. Af samme årsag har Yfull lidt uretfærdigt fået et ry for at kunne presse mere ud af en BigY end FTDNA - i virkeligheden roder de bare lidt rundt i det, som FTDNA bevidst har kasseret.

Og selvom en position er læst mere end 10 gange, så er resultatet ikke nødvendigvis entydigt - f.eks. kan testen have læst 10 x G (mutationen) og 4 x A ("det normale") på en position. Her har både Yfull og FTDNA nogle hemmelige algoritmer for, hvornår de godkender en læsning, hvori der både indgår antallet af læsninger og størrelsen på afvigelsen mellem flere aflæsninger af forskellige værdier.

Det er kun de positioner, der består FTDNA's forskellige kvalitetskriterier som bliver vist som en "named variant" eller "unnamed variant".

DYZ19, homologe positioner og andet skrald

Ud over de "gode" positioner i Y-DNA, så læser BigY også en del positioner, hvis brugbarhed fortsat diskuteres. Jeg vil ikke gå i dybden med disse, men blot komme med to eksempler:

DYZ19 er et "berygtet" og rodet område af Y-DNA, hvor der ligger en del STR gentagelser og disse gentagelser skubber rundt med de SNP'er, der ligger i samme område, så de ikke kan findes helt entydigt. Derfor undgår Yfull og Ytree at benytte SNP'er fundet i dette område imens FTDNA af uransagelige årsager nogle gange angiver dem som fuldgode private SNP'er.

Andre positioner på Y-DNA er kendt som "homologe" og det betyder at der findes identiske områder på de andre kromosomer (oftest på X-kromosomet). Dermed kan man ikke være helt sikker på, at det er et stykke af Y-DNA man har fundet eller om det er et stykke af et andet kromosom der er målt. Yfull er gode til at sortere homologe SNP'er fra i deres analyse, ligesom Yseq nægter at oprette dem i deres butik, da de ikke vurderes at være troværdige.

Ovenstående er nogle af de mest almindelige eksempler på "dårlige" SNP'er - der findes flere andre steder, men det er ikke nødvendigt at kende dem alle - bare at forstå at nogle SNP'er der findes af en BigY ikke vurderes at være lige så brugbare som andre.

Er BigY så ikke en god test?

Med ovenstående forbehold kan man begynde at få den mistanke, at BigY måske ikke er så god som sit rygte?

Der er ingen tvivl om at BigY ikke er den perfekte test, men hvis det er det som man søger, så skal man kigge over mod WGS (Whole Genome Sequencing), der tester hele ens DNA (Y-DNA, autosomt DNA og mtDNA) på én gang. Disse tests rammer mindst 96% af alle positioner, men fortsat sjældent over 99%.

De findes med et antal garanterede "reads", som angiver hvor mange gange en gennemsnitsposition på DNA læses (15x, 30x, 45x). At en test i gennemsnit læser hver position på DNA 30 gange betyder dog ikke at der ikke er positioner der ikke læses, så man ender ligesom med BigY med ulæste positioner - bare færre af dem.

Og så er der lige det med prisen - den billigste WGS test hos Yseq (15 reads) koster 50% mere end BigY på tilbud og prisen inkluderer kun at der leveres en fil på 50 GB som man så selv skal arbejde videre med i speciel software (gratis) - ingen matching eller andet.

Den nye trend med WGS tests er i øvrigt at man begynder at se lidt mere optimistisk på de SNP'er der gemmer sig i f.eks. DYZ19 - her kan en WGS test læse disse positioner mere sikkert, så man i fremtiden måske kan fiske nogle brugbare SNP'er ud af de områder, som man i dag kasserer på forhånd. Her skal man dog huske at grundet ækvivalens vil de fleste af disse nye SNP'er ikke tilføje nye grene på haplotræet - bare udvide vores viden om eksisterende grene.

Her i januar 2019 har FTDNA annonceret, at de har opdateret deres BigY teknologi, så kvaliteten af læsningerne (og procestiden) er øget betydeligt. Alle BigY, som endnu ikke er behandlet færdig her i udgangen af januar 2019 vil blive behandlet med denne nye teknologi og det bliver spændende at se hvor stor forbedringen er, når disse "nye" BigY resultater kommer ind på Yfull. Jeg vil opdatere denne guide, hvis der kan ses en forbedring!

Der er ingen tvivl om at man om 5-10 år vil bruge WGS tests frem for BigY, men aktuelt er BigY det mest tilgængelige og billigste tilbud. Og disse tests vil kunne sammenlignes og matches på det samme haplotræ - vi er altså ikke ved at gentage fejlen om STR-tests versus SNP-tests. Jeg ser derfor ingen grund til ikke at anbefale BigY. Men det er naturligvis sjovere at få 95% af de mulige læsninger i sin BigY frem for 85% af de mulige læsninger, selvom man ikke kan gøre andet end at være omhyggelig når prøven tages og så håbe det bedste.

I sidste ende drejer både WGS og "den perfekte BigY" sig om ekstra 2-5 private SNP'er som kan være med til at adskille de alleryderste grene på haplotræet og disse er først relevante, når man har mere end en håndfuld meget nære BigY matches - og der er vi slet ikke endnu.

Så med ovenstående forbehold er vi klar til at fortsætte med vores BigY resultat.

Yseq

Inden vi slutter af med teknik, så er jeg lige nødt til at introducere Yseq.net, for det er stedet man køber sine DNA-tests, når man skal videre.

Yseq ligger i Berlin og er ejet af ægteparret Krahn. Thomas Krahn var faktisk manden, der opfandt BigY, men han har nu sit eget laboratorium i Berlin, hvor han tilbyder troværdige tests på Y-DNA til meget rimelige priser.

Her koster det 175 kroner at teste for en SNP - inklusive kit or porto. De efterfølgende SNP'er på samme kit koster 120 kroner, da man kan slippe for at betale for et nyt kit og porto ved at bruge koden "IDONTNEEDAKIT", når man bestiller en ny test på et eksisterende kit.

Yseq har næsten alle haplogrupper "på lager" i deres butik fordi Thomas Krahn administrerer ISOGG's (International Society of Genetic Genealogy) officielle haplotræ og derfor næsten med det samme tilføjer nyopdagede haplogrupper til sin butik.

Prøv at bruge søgefunktionen og se, om din nærmeste haplogruppe ikke allerede er oprettet. Man kan med fordel søge på Hg38 positionen, så man ikke behøver at gætte hvad haplogruppen hedder hos Yseq. Findes haplogruppen ikke, så prøv de ækvivalente positioner - hvis Yseq vurderer at en af flere ækvivalente SNP'er er mere testbar end den, der lægger navn til haplogruppen, så foretrækker de at oprette denne for at sikre den bedst mulige kvalitet i testen.

Og savner man en SNP i butikken, så kan man bestille den via funktionen "Wish a SNP" for hele 7 kroner. Man skal bare gå ind på "Unnamed variants" hos FTDNA og se data for SNP'en - dvs. position (der altid er Hg38 hos FTDNA), reference og genotype og så skriver man f.eks.

*14438874 C to T
Under R-Z275 under R-BY3604*

Hvor 14438874 er Hg38 positionen, C er reference og T er genotype (mutationen). Dernæst kan man lige skrive, i hvilket hjørne af haplotræet man er - Yseq plejer så også lige at kontrollere at det hele stemmer, når man gør det.

Hvis Yseq kan godkende positionen og den ligger i et område, som de mener at kunne teste sikkert (der står en ikke-udtømmende liste af positioner, som de ikke kan godkende på bestillingssiden) så modtager man en mail efter et par dage med besked om, at man nu kan bestille test på SNP'en i deres butik.

Hvis Yseq afviser SNP'en, så er de 7 kroner tabt, men så har de brugt tid på at vurdere om det er en "god" SNP som FTDNA har fundet. SNP'er som forkastes af Yseq ville jeg ikke betragte som anvendelige i praksis.

Da der ikke er mange penge på spil ved "Wish a SNP" så kan man overveje proaktivt at oprette alle sine private SNP'er med det samme, så de bliver kvalitetsvurderet og ligger klar i butikken - hvis de ellers er gode nok!.

Da man kan bestille et ubegrænset Yseq kits til 20 kroner pr. styk og kun betale porto én gang, så kan man med fordel bestille en håndfuld kits ved første ordre - så er man godt "bevæbnet" til den næste familiefest.

Yseq tester nyoprettede SNP'er på 6-8 uger, da de først bestiller "primers" når en person køber en test på SNP'en første gang. For SNP'er der er testet før, er leveringstiden ofte nede på et par uger. Man får altid en mail fra Yseq, når resultatet er klar.

Yseq viser deres testresultater på en lidt kryptisk måde:

My Allele Results

SampleID	Ordered	Marker+	Chr	Start	End	Allele
9141	free	A8777	ChrY	7643277	7643277	A-
9141	free	A14981	ChrY	7643188	7643188	C+
9141	2017-04-24	A14981	ChrY	7643188	7643188	C+
9141	free	BZ1982	ChrY	7643565	7643565	C-
9141	free	F3852	ChrY	7643618	7643618	T-
9141	free	FGC23563	ChrY	7643562	7643562	T-
9141	free	FGC52959	ChrY	7643398	7643398	C-
9141	free	S5629	ChrY	7643297	7643297	A-
9141	free	Z4175	ChrY	7643293	7643293	T-
9141	free	Z31486	ChrY	7643006	7643006	G-
9141	free	Z31703	ChrY	7643005	7643005	C-
9141	free	Z37905	ChrY	7643416	7643416	G-
9141	free	ZS4122	ChrY	7643558	7643558	G-

Personen ovenfor har kun bestilt "A14981" den 24. April 2017, men får her en masse resultater. Lad os lige starte med at konstatere at han for "A14981" har fået et "C" som er "derived" og han dermed er positiv (angivet ved et plus) for SNP'en A14981. Det er altså plusset sidst i linjen, som er det vigtigste!

Men hvad med alle de andre? Jo Yseq bruger Sanger test og her tester man ca. +200 og -200 positioner omkring den SNP som man tester efter - dette ses også af "start" og "end" positionerne ovenfor, der alle ligger omkring A14981. Dermed rammer man tilfældigvis flere andre kendte haplogrupper og SNP'er og får dermed gratis et resultat for disse.

I stedet for at smide disse resultater ud, så vises de sammen med det resultat man har bestilt - der kan i særlige tilfælde ligge brugbar viden på disse positioner. Det sker at nogle f.eks. tester sig for en overordnet haplogruppe (f.eks. I-M253) og de så tilfældigvis er positiv for en underliggende haplogruppe som ligger inden for de ca. +/- 200 positioner. Her vil man gratis kunne se dette med ovenstående visning, selvom det nok sker relativt sjældent...

Yfull

Yfull er et russisk website, som udstiller et BigY-resultat mere detaljeret og mere teknisk end FTDNA og som samtidigt har det mest overskuelige haplotræ. Indtil FTDNA i januar 2019 lancerede deres "Block tree" var der ingen vej uden om Yfull, hvis man skulle have det bedste ud af sin BigY. Med det nye "Block tree" er Yfull ikke længere helt så relevant, som det har været. Jeg har dog lavet en vejledning til Yfull, som kan findes på adressen www.morup-petersen.dk/Yfull.pdf

Efter dette crash-kursus i Yseq og Yfull er vi færdige med DNA-teknik og kan nu kigge tilbage på slægten - både den nære og den fjerne...

BigY og hvad så nu?

Alle de ovenstående afsnit handlede primært om at forstå og fortolke sin BigY. Herfra handler det om at bringe denne indsigt i spil.

Jeg har valgt at dele afsnittet op i tre niveauer - det store billede, den kendte slægt og så perioden midt imellem - det vil sige tiden før de skriftlige kilder.

Det store billede

I FTDNAs "Block tree" og i Yfulls haplotræ kan man se hvor ens nærmeste fjerne "fætre" kommer fra. Med en smule gætværk kan man måske se et mønster i det?

Kigger man forbi Eupedia.com så er der også en del hjælp at hente i de fine artikler om hver haplogruppe. Man skal dog huske at det er et subjektivt website baseret på én persons arbejde, men her er dog samlet megen god information fra mange forskellige kilder, så det er en hurtig genvej til indsigt.

Der er også en række DNA- og haplogruppe-fora hos Anthrogenica.com og hos FTDNA. Her finder man dybe diskussioner blandet med lidt håbløse råb om hjælp fra begyndere, men der er næsten altid lidt spændende ekstra information at hente.

Man skal dog altid huske at vurdere, hvor objektivt der skrives i disse fora - det ses af og til at emnet DNA og haplogrupper bruges til at fremføre skjulte nationalistiske, racistiske eller religiøse holdninger.

En god øvelse er at tegne et kort over sin haplogrupperes bevægelser gennem historien. Her skal man være klar over, at man ofte véd mest om de ældste grene og mindre og mindre jo yngre grenen er. Men som regel kan man godt komme frem til et nogenlunde korrekt kort over haplogrupperens bevægelser fra sidste istid og frem til år 0. Dette kort giver overblik, er et udgangspunkt for gode historier ved familiens selskaber og kan bruges, hvis man senere vil kontakte nye personer med henblik på at DNA-teste dem...

Hvis man ikke vil tegne kort, så kan en A4 side, der oplister de samme data også gøre det. Man kan evt. vælge at angive, hvad der er nogenlunde fakta, hypoteser og så personlige gæt - igen er der normalt nogenlunde styr på de ældste perioder og mindre styr på de yngste år.

Man vil nok opdage at man i dette arbejde stille og roligt får øjnene op for historien og folkevandringerne. Pludseligt læser man om anglerne, kelterne, cimbrerne, burgunderne og alle de andre spændende folkeslag som skrev sig ind i historien.

Ligeledes er arkæologer i tiltagende grad begyndt at DNA-teste arkæologiske fund og selvom fokus oftest er på autosomt DNA, der fortæller hele personens baggrund, så bliver der også af og til testet Y-DNA - desværre oftest på det helt overordnede niveau (f.eks. I-M253), men nogle gange også mere detaljeret. Og ellers så er der en del DNA-amatører på f.eks. Anthrogenica, der gennemtrawler arkæologernes videnskabelige artikler og ud fra bilagene udleder fundenes mere detaljerede haplogrupper - man kan således være heldig at lære at et skeletfund et sted i Europa er en fjern forfader eller fætter!

Den kendte slægt

Denne del dækker den del af slægten, som man kan afdække gennem de skriftlige kilder.

Har man fulgt mine anbefalinger i toppen af denne guide, så har man i ventetiden forsøgt at skubbe sin fædrende slægt så langt tilbage som muligt. Ligeledes har man måske også forsøgt at spore alle mandelinjer efter alle ens aner i ens fædrende linje. Hvis man er slægtsforsker, så har man nok godt styr på efterslægten til ens olde- eller tipoldeforældre, og takket være de digitaliserede folketællinger på www.ddd.dda.dk er det relativt nemt at efterspore de lige mandelinjer efter de ældre aner i den fædrende linje. Husk at man ikke behøver at forfølge *alle* grene - kun de rene mandegrene. Når man kommer til de yngste dele, hvor man ikke længere kan få adgang til kirkebøger m.m. så er Google, Facebook, LinkedIn, MyHeritage osv. gode værktøjer til at opspore og komme i kontakt med nulevende efterkommere - især hvis de har unikke efternavne!

Med dette arbejde på plads, skal man overveje, om man vil kaste sig ud i "offensivt" (på eget initiativ) at teste personer, der er (eller burde) være en del af den biologiske slægt. Jeg

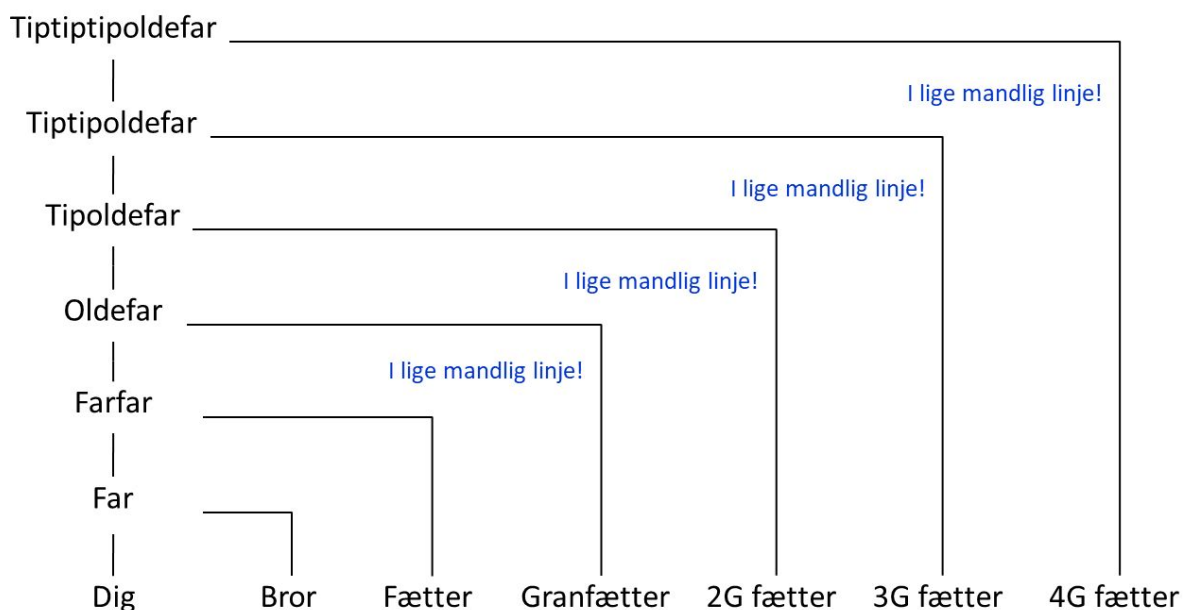
kommer med nogle råd til testprocessen nedenfor, men jeg synes lige vi skal kigge på formålet først.

Bekræft den fædrende linje

Det første trin, som man kan overveje, er at få DNA-bekræftet sin fædrende linje, så langt tilbage som muligt.

Dette gør man ved at finde en nulevende efterkommer efter en anden gren af den ældst mulige ane og teste denne efterkommer for ens mest detaljerede haplogruppe hos Yseq.

Tanken er som følger:



Vi antager i eksemplet ovenfor at man har kunnet skubbe sin fædrende linje tilbage til ens tiptiptipoldefar og man véd at ens nærmeste haplogruppe er BY12345. Kan man nu finde en levende mandlig linje til en bror til ens tiptipoldefar og teste vedkommende positiv for BY12345 hos Yseq, så véd man at man har fat i den rigtige tiptiptipoldefar - ellers ville de jo ikke begge være BY12345+

En sådan test koster 175 kroner hos Yseq inklusive kit og porto og er en relativ billig måde at få fastlagt at ens fædrende linje er korrekt - både rent slægtsforskningsmæssigt, men også biologisk!

Kan man ikke finde en nulevende og samarbejdende tester til en bror til ens tiptipoldefar, så må man gå et trin ned og finde en nulevende linje til en bror til ens tipoldefar. Så kan man naturligvis kun få bekræftet linjen tilbage til sin tiptipoldefar, men det er bedre end ingenting.

Der er naturligvis en risiko for at personen, som man tester viser sig at være negativ for BY12345 og så har man et problem! Enten er der "rod i biologien" eller også har man rod i slægtsforskningen.

Ved et negativt resultat må man forholde sig til at stamtavlen ikke passer - enten på ens egen side eller på den fundne testers side. Der kommer nedenfor et afsnit om etik og metode ved offensivt at teste "uskyldige", så her fokuserer vi i første omgang på de muligheder, der er for at finde ud af "fejlen".

Det mest oplagte er nok at finde en anden tester fra den anden gren - gerne af den ældst mulige forgrening af slægten efter den fælles forfader på den anden side og så teste vedkommende. Alternativt, så må man starte med at antage at fejlen måske ligger på ens egen side og så teste "nedad" i ens egen linje - og så håbe at man ikke kommer frem til, at også ens far er negativ for ens egen haplogruppe! Som det kan ses, så kan det hurtigt blive følsomt, så det er en god idé lige at overveje, om man overhovedet vil gå ned ad denne sti!

Men med lidt held og samarbejdsvillige testere, så ender man med at have bekræftet sin fædrende linje gennem DNA, så langt tilbage som muligt. Dermed er man godt stillet når man kommer i dialog med "fremmede" matches, idet man selv véd, at man har en 100% DNA-valideret anelinje tilbage til den angivne ældste kendte forfader.

Opdel dine private SNP'er i "gamle" og nye SNP'er

Når nu man har fået lagt en prøve ind hos Yseq af en anden gren efter den fjernest mulige slægtning og har fået bekræftet slægtskabet, så er det fristende at finde ud af, hvilke af ens private SNP'er, der allerede eksisterede hos denne fælles fjerne ane (f.eks. ens tiptiptipoldefar i eksemplet ovenfor) og hvilke, der er kommet til senere. Dette kan man gøre meget simpelt ved at teste denne anden tester for alle ens private SNP'er.

Alle private SNP'er, som denne fjerne fætter er positiv for, fandtes beviseligt allerede hos den fælles ane og de (få!) private SNP'er, som han er negativ for, må være kommet til siden den fælles ane. Reelt så genskaber man således en BigY for en ane, der måske levede for over 300-400 år siden! Og resultatet er præcis lige så godt, som hvis man kunne teste denne forlængst afdøde ane. Metoden kaldes "triangulering" og er - i modsætning til triangulering af autosomt DNA - fuldstændig entydig.

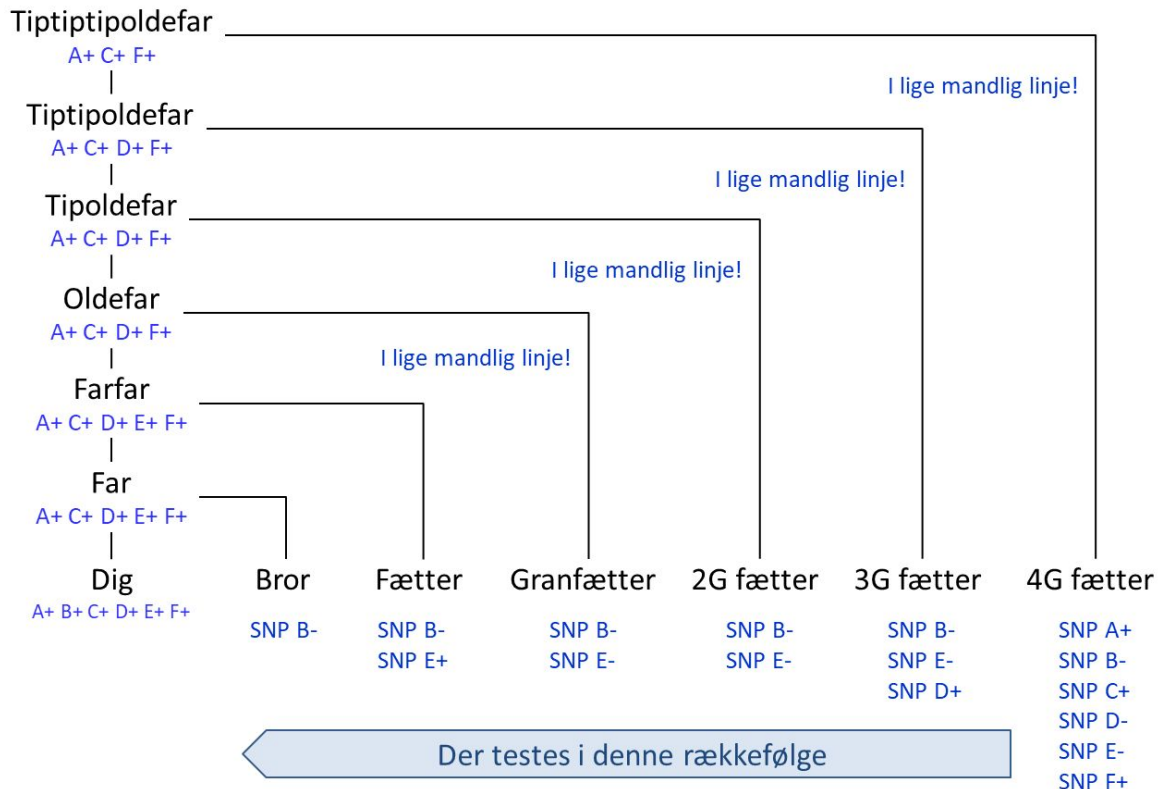
Dette giver naturligvis mest mening rent økonomisk, hvis man har få private SNP'ere og ikke så meget mening, hvis man skal teste for mange private SNP'er. Husk dog, at når Yseq allerede har kit'et liggende, så koster de ekstra SNP'er kun ca. 120 kroner pr. styk at teste med koden "IDONTNEEDAKIT".

En lille ekstra gevinst af ovenstående vil være, at man får bekræftet at disse fælles private SNP'er er gode nok - og de vil få "grønt skjold" hos Yfull, hvis man har en konto dér (se Yfull guiden).

Da vi skal regne ca. 150 år pr. SNP, så vil man typisk opleve at en slægtning inden for de skriftlige kilders tid højst vil være negative for 1-3 af ens private SNP'er.

For den virkelig nysgerrige - sæt navn på dine private SNP'er

Har man nu gennemført de to trin ovenfor, så står man tilbage med højst et par private SNP'er, som man véd er kommet til i slægten siden ens fjerneste kendte forfader. Hvis man har lyst, kan man faktisk finde ud af, hvilken ane, der var den første til at have disse - det eneste det kræver er, at man triangulerer sig ned gennem slægten:



I eksemplet ovenfor blev min teoretiske "4G fætter" testet for mine 6 private SNP'er. Da han var positiv for de 3 af dem (A, C og F), så kunne jeg regne ud, at disse allerede var til stede i min tiptiptipoldefar - og at de andre 3 (B, D og E) var kommet til siden.

Kan jeg nu finde en frivillig tester i en anden lige mandlig linje efter min tiptipoldefar (en 3G fætter), så kan jeg teste ham for disse 3 yngre SNP'er og dermed triangulere min tiptipoldefars Y-genetiske fingeraftryk. I det tænkte eksempel ovenfor er han positiv for den ene (SNP "D"), så jeg véd nu at min tiptipoldefar var den første mand i verden med denne mutationen - og at enhver der tester positiv for denne mutation er en efterkommer efter min tiptipoldefar i lige mandlig linje. Bemærk også, at man så ikke behøver at teste de yngre generationer for SNP "D" - den har man fået placeret på træet og kan derfor spare denne i de efterfølgende tests.

Bemærk at min 2G fætter i eksemplet ovenfor tester negativ for både B og E. Er han så overhovedet min biologiske 2G fætter? Her må jeg teste ham for D, for at være sikker - han skal helst være D+.

Og sådan kan man gentage nedad i takt med at man finder frivillige testere i slægten. I eksemplet ovenfor har jeg fundet ud af, at jeg selv er den første mand i verden med mutationen "SNP B"!

Inden man kaster sig ud i dette projekt, så skal man dog lige gøre sig det helt klart, at man i processen offensivt tester nære familiemedlemmer og kan risikere at de slet ikke er positive for de pågældende SNP'er! Er der tale om en "4G fætter" så kan man nok altid slippe ud af det med en god undskyldning om dårlig slægtsforskning, men hvad nu, hvis det er en bror eller onkel eller fætter, der ikke passer ind i slægten? Man har jo på dette tidspunkt 100% styr på at man selv er efterkommer efter sin tiptiptipoldefar, så fejlen ligger entydigt i testpersonens sidegren til slægten...

Gå efter navnet!

Jeg er selv ud af "patronymhelvedet" med Jensen > Nielsen > Petersen efternavne ned gennem slægten på alle de BigY, som jeg administrerer. Men der findes jo danskere derude med mere spændende familienavne, som er gået i arv helt tilbage fra de tidligste skriftlige kilder. Og da efternavne før i tiden næsten altid gik i arv i de fædrede linjer, så er der en vis sandsynlighed for at Y-DNA har fulgt efternavnet.

Derfor kan man overveje at skrive til personer med samme efternavn, som man ikke selv kan genfinde som efterkommere i den kendte fædrede slægt og spørge om de vil lade sig DNA-teste med henblik på, om man måske er slægt alligevel - altså af grene fra før de skriftlige kilders tid.

Her skal man huske altid at starte med spørge om vedkommendes efternavn kommer fra den fædrede side eller den mødrede side, så langt tilbage som vedkommende kender til sine aner - i to af mine BigY har den fædrede linje taget konens efternavn fro nogle generationer siden for at slippe for et kedeligt Petersen eller Nielsen.

Men er der nu et overskueligt antal nulevende personer i Danmark med samme specielle efternavn, så kan det være fristende at undersøge om disse måske alligevel er biologisk slægt.

Dette afgør man relativt nemt ved at teste dem for ens nærmeste haplogruppe. Er det positive for denne, så *kan man overveje* at teste dem for de private SNP'er, som man med forløbet ovenfor véd fandtes hos ens fjerneste kendte ane - hvis de er negative for én af dem, så ved man at denne anden gren er kendetegnet ved at være negativ for netop denne SNP.

Testen man *ikke* laver!

Når nu man kender sin lokale haplogruppe, så kunne man måske fristes til at fortælle vidt og bredt om dette i familien og før eller siden er der måske nogen, der gerne vil testes for denne haplogruppe - eller man går måske i gang med af egen vilje at teste alle nulevende mænd i den nære slægt for denne haplogruppe.

Med kendskab til sin mest lokale haplogruppe og mulighed for at Yseq-teste for denne til kun 175 kroner, så sidder man pludseligt inde med en helt uhyggelig magt til at dømme slægtninge "ude" eller "inde" i familien.

Dette har absolut intet formål og bør betragtes som meget uetisk!

Det kan diskuteres om ikke testforløbet beskrevet ovenfor, hvor man triangulerer ned gennem anelinjen grænser til nogenlunde det samme, og jeg vil ikke påstå at det er mere uskyldigt, men her er der i det mindste et formål.

Men det er nok på tide lige at vende etikken i det her...

Etik ved offensiv testning

Jeg kalder det for "offensiv testning", når man proaktivt kontakter familiemedlemmer eller fremmede for at overtale dem til en DNA-test - i modsætning til blot at vente på at et match af sig selv dukker op hos FTDNA eller Yfull.

Hvis man overtaler en anden person til at lade sig teste, så bringer man jo en forstyrrelse ind i vedkommendes liv, som vedkommende ikke har efterspurgt - alene på grund af ens egen hobby. Jeg er selv imponeret over hvor mange familiemedlemmer og helt fremmede, som jeg efterhånden har overtal til at lade sig DNA-teste og jeg er bæret over den tillid som de viser mig, men jeg er også meget bevidst om, at jeg hver gang "leger med ilden" og måske finder et resultat, der ikke understøtter stamtavlen.

Det er min faste overbevisning, at man er moralsk forpligtet til at fortie sandheden med alle midler, hvis en DNA-test viser at der er uorden i slægten og tester ikke på forhånd har løftet en mistanke om dette. Lige her lyver jeg gerne!

Så når jeg kontakter meget fjerne slægtninge, så påpeger jeg altid at min slægtsforskning naturligvis kan være forkert, og at vi derfor ikke nødvendigvis matcher (og det er jo sandt nok). Jeg plejer vist også at fortælle en lille nødløgn om, at der på min side af den fælles ane er nogle tvivlsomme forbindelser med fødsler udenfor ægteskab eller meget hurtigt efter ægteskab, så jeg kan tørre et eventuelt manglende match af på min del af slægten og undgå at skabe tvivl hos tester. På den måde slipper jeg for at skulle fortælle en større løgn, hvis matchet ikke er der.

Tester man nærmere slægtninge og finder intet match, så er der kun én ting at gøre: **LYV!** Hver gang jeg sender en test afsted tænker jeg over, hvad jeg vil sige, hvis resultatet er

negativt. Mit bedste råd er, at der er så lille en forskel på om en person er BY12345+ eller BY12345- (det er kun ét tegn), så når det negative resultat kommer ind, så fortæl præcis den historie som du ville have fortalt, hvis resultatet havde været BY12345+ - måske lige lidt mindre engageret, så personen ikke selv fatter interesse for DNA-forskning.

Jeg har endnu et sådant negativt resultat til gode, men for hver offensiv test man tager, så løber man risikoen...

“Det gode brev”

En af grundene til at jeg har oplevet meget få, der ikke har indvilliget i en test er nok, at jeg gør mig ekstremt umage med at skrive det første brev til dem, så de véd hvad mit projekt går ud på og de føler at det giver mening. Læg dertil, at jeg altid sender min første kontakt som et fysisk brev (så ligner det ikke spam) og at jeg naturligvis fortæller, at jeg betaler det hele selv, da det jo er *min* hobby.

Men generelt bruger jeg denne disposition, når jeg skriver til en potentiel tester:

- Kort om mig selv
- “Vi er i fjern slægt på denne måde” med stamtavle for testers faderlinje tilbage til den fælles ane og så frem til mig. Navn, fødsels- og dødsår samt erhverv (det sidste synes folk altid er spændende). For de meget fjerne slægtninge er det jo en hel fædrende stamtavle tilbage til 1600-1700 tallet der lige kommer gratis med posten. Og det viser også, at vi trods alt er familie!
- Måske lidt mere info om den fjerneste fælles ane - det er jo ham der er i indirekte fokus for denne DNA-test.
- Hvad formålet er - at spørge om lov til at DNA-teste vedkommende med henblik på at lære mere om den fælles ane (og dermed ikke om testerens DNA!).
- Hvad jeg allerede véd fra min BigY - den fælles anes haplogruppe og hvad den viser, skrevet på ganske få linjer og med løfte om at fortælle mere, hvis interessen er der - uanset om han tester eller ej.
- Hvordan testen foregår - skrabe kinden med en vatpind.
- Hvad jeg tester - en “lille” test på 1 til 10 positioner af 8½ millioner mulige positioner med fokus på slægtsforskning.
- Hvad jeg IKKE tester - sygdomme osv.
- Testen står i mit navn, så kun jeg véd, hvem tester i virkeligheden er.

- Forbehold for at vi ikke er i biologisk slægt, da min slægtsforskning kan være behæftet med fejl.
- Min mailadresse, telefonnummer og fysisk adresse.

Ovenstående kan skrives på 2-3 A4 sider og har indtil videre virket meget godt.

Hvis tester indvilliger, så sender jeg straks en A4-kuvert med et Yseq testkit, test-instruktion og en frankeret foret kuvert adresseret til Yseq i Berlin. Returadressen er min adresse, så tester kan se, at han er anonym. Inde på Yseq angiver jeg tester som den fælles anes navn c/o min adresse, så jeg kan holde rede på alle mine kits - hvis Yseq vidste hvor mange af deres profiler, der har været døde i over 100 år!

I ét tilfælde fik jeg et afslag, og efter en del ekstra arbejde måtte jeg konstatere, at der ikke var andre nulevende efterkommere i andre grene. Jeg følte mig derfor nødsaget til at bryde med mine principper og så skrive én gang til et års tid senere og denne gang med masser af info om de ældste grene af testers slægt med udklip fra kirkebøger osv. sat ind. Det overbeviste tester om, at jeg havde reelle hensigter og jeg fik en test - og vi er familie og har efterfølgende mailet sammen om resultatet af testen i flere omgange.

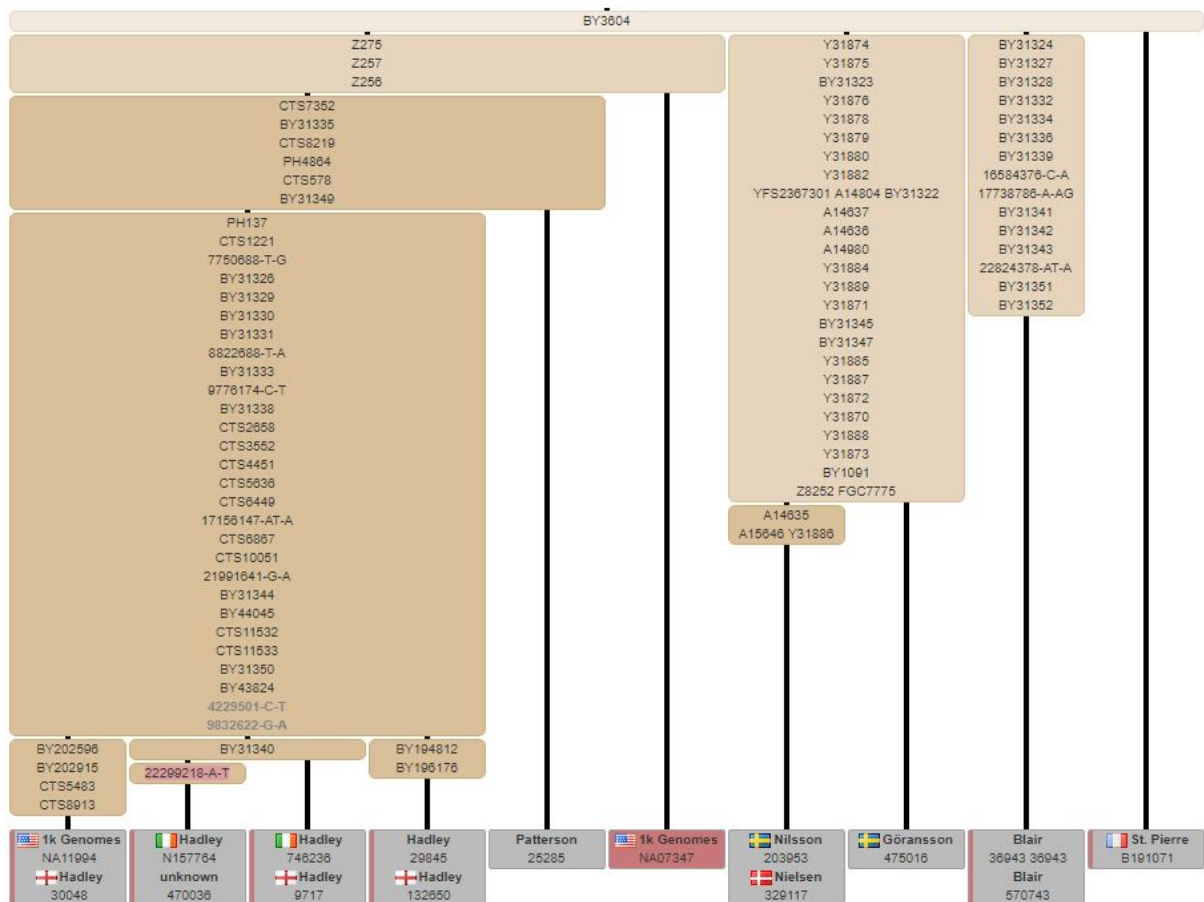
Jeg husker naturligvis at sige tak og glemmer ikke at skrive til "mine" testere, når min slægts- eller DNA-forskning giver nye resultater om den fælles slægt, som kan være af interesse for disse testere.

Perioden mellem fortiden og stamtavlen

Man skal ikke glemme, at en BigY er med til at lukke hullet mellem fortiden og så den del af slægten, som man kan finde frem til gennem almindelig slægtsforskning.

Hvis interessen ellers er der, så kan man prøve at finde ud af, hvor ens anelinje levede fra før år 0 og frem til nu - altså den del, der ikke dækkes af de generelle haplogruppeartikler på Eupedia, men som stadigvæk ligger før de skriftlige kilder.

Det er nok nemmest at forklare, ved at tage udgangspunkt i mit eget hjørne af haplotræet hos Ytree (Ytree er lidt nemmere at vise her, men er reelt det samme træ som FTDNA's nye Block Tree):



Her kan man se at der under BY3604 ligger nogle distinkte grupper:

- Hadleys, som er et familieprojekt som mener at kunne spore slægtens vugge til slottet Hadley ved Birmingham i Storbritannien.
- Patterson, som taber sin slægts spor i USA i slutningen af 1700-tallet.
- En anonym amerikaner, der blev testet i "1.000 genomes" projektet, der var med til at danne det tidlige haplotræ.
- Mig og mine to svenske matches, som har kunnet spore vores fælles aner til en lille landsby i Blekinge ca. år 1600. Mit eget papirspor går til Herfølge 1678, men der er antydninger af en forbindelse til anden Skånske krig og Skåne/Blekinge. Ved Yseq test af et heldigt Y37 match, så véd vi at haplogruppe A14635 er dannet i Blekinge før år 1595, idet Y37 matchet og "Nilsson" kit'et havde en fælles ane i papirsporet, der var født i 1595 (et ekstremt heldigt match!).
- Blair familieprojektet, som er et engelsk familieprojekt, som sporer Blair-slægten fra Skotland, der menes at stamme fra en Normanner, der fik jord i Skotland.
- St. Pierre, der kan spore sin fædrende slægt tilbage til en adelig Normanner-familie fra Nordfrankrig ca. 1520.

Yfull estimerer BY3604 TMRCA til at have levet for 4.100 år siden, så vi havde altså alle en fælles forfader, der levede for ca. 4.100 år siden. Jeg har besluttet mig for, at det er her under BY3604 at mit arbejde med haplotræet starter - alt der ligger over/før skal andre nok tage sig af.

Jeg er derfor i dialog med alle de ovenstående testere og vi arbejder sammen for at stykke vores BY3604 puslespil sammen.

Der er tydeligvis et Normanner-element i spil - det er os Skandinaver, der ikke rigtigt passer ind i det store BY3604 billede. Fælles for os Skandinaver er, at vores tidligste kendte aner var meget fattige bønder, så der kan være flere mulige forklaringer:

1. Vi er efterkommere efter en kriger eller soldat, der har hærgnet og voldtaget og efterladt sig (drenge)børn i Blekinge i jernalderen, vikingetiden eller senere.
2. Vi er efterkommere efter en træ, der er kommet fra de britiske øer til Blekinge og senere blevet sat fri og har stiftet familie.
3. Vi er efterkommere efter en Normanner, som tog til Sverige og som faldt socialt ned gennem klasserne - eller hans efterslægt gjorde.

Og så er der naturligvis mange andre mulige forklaringer, men der er fortsat et stort hul midt i puslespillet imellem os og de mange Normannere under BY3604.

Dette hul udgøres DNA-mæssigt af de 25 SNP'er mellem os i den skandinaviske gruppe og så resten af BY3604. Ifølge Yfull så afspejler disse 25 SNP'er ca. 3.500 års historie, så forklaringen på min fædre linjes historie ligger gemt i disse.

Men det er også åbenlyst, hvordan der kan skaffes flere brikker til puslespillet: Hvis de rigtige personer (og helst nogle med gode stamtavler) lader sig BigY teste, så kan de måske splitte de 25 SNP'er op i nye haplogrupper, forgrene vores træ og samtidigt gennem deres anelinje lægge nye brikker til puslespillet.

Så opgaven er at opspore så mange som muligt, der er BY3604+ (eller potentielt BY3604+) og så høre om de kan overtales til at BigY teste - evt. efter en indledende Yseq-test, der afgør om de er BY3604+ eller ej.

Så hvordan finder man potentielt relevante personer til at teste ned i BY3604? Vi er jo pr. definition før de skriftlige kilder, så der er ingen hjælp at hente dér - vi skal bruge DNA-sporet.

En af de bedste metoder er naturligvis at kigge på sine STR-matches (Y37, Y67 og Y111), men min tillid til STR-matches er ikke blevet større af, at vi faktisk har både Y37 og Y67 matches, som tilhører haplogrupper over BY3604. Dette har vi endnu ikke oplevet med Y111

matches endnu, så de plejer at være gode nok. Men man kan jo altid høfligt forespørge, om ikke ens matches på Y37 niveau og derover kunne være interesseret i en BigY.

Nu kan der være mange måder at overtale vildt fremmede til at tage en BigY, som trods alt er en udskrivning på ca. 3.000 kroner, men jeg har som princip altid at fortælle sagligt om de mulige resultater, så testerne ikke bliver skuffede efterfølgende. Der er tydeligvis en del testere, som vil gå langt for "matches" og her plejer jeg på forhånd at gøre det helt klart, at en BigY meget sjældent giver nye matches i forhold til en Y67 eller Y111. Det er ens egen indplacering i den store historie, der her er tale om. Ved særlige interessante matches har nogle af os allerede testede samlet sammen til et tilskud på $\frac{1}{3}$ til $\frac{1}{2}$ af testens pris, men så plejer vi også at starte med en (selvbetalt) Yseq test for BY3604 først, så det ikke er penge ud af vinduet for os.

Og ja - vi "bruger" dem, der tester på vores opfordring, men samtidigt klikker de ind i en historie, så de helt fra starten får noget ud af deres BigY - de vil ikke starte med at stå med deres BigY helt alene og uden matches, men blive placeret i et større billede og får hjælp af andre aktive BY3604-testere.

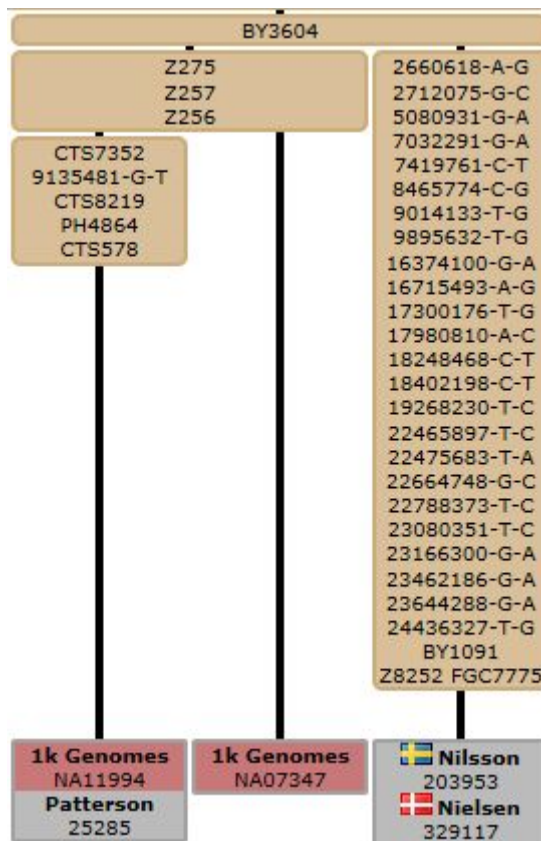
Men det betyder også, at man må være parat til at hjælpe dem, når BigY resultatet kommer ind og hjælpe med fortolkning.

Et andet sted, hvor der er hjælp til at finde potentielle BigY matches er i FTDNA's projekter. I de aktive projekter er projektadministratorerne flittige til at forudsige deltagernes haplogrupper ud fra STR-værdierne og her kan man også finde kandidater til ens nærmeste haplogruppe. Man finder disse ved at gå ind på projekternes side og så vælge "DNA results" og så "Classic chart". Når siden har loadet, så indtast "9999" i "Page size" og siden loader igen (kan tage flere minutter i de store projekter). Søg så den haplogruppe som man er interesseret i og se, om der er nogle, der er testet i denne eller "predicted" i denne. For at få kontakt med dem, kan man spørge om projektadministratoren vil sende en mail videre til dem - de fleste projektadministratorer er også interesseret i at der kommer flere BigY i projektet.

Et sidste sted at søge er i diverse fora (f.eks. Anthrogenica), hvor man kan være heldig at en person har testet gennem et SNP-panel hos Yseq og er landet i ens nærmeste haplogruppe (Yseq's paneler er altid meget detaljerede). Også her kan man kontakte personen og høre, om ikke han ville være interesseret i en BigY hos FTDNA.

Med ovenstående tilgang, en del held og ikke mindst tålmodighed - og måske et lille tilskud til en test i ny og næ - så medvirker man til at udvikle sit lille hjørne af haplotræet. Og med flid og nysgerrighed bliver man hele tiden lidt klogere på sin fædrende linje før de skriftlige kilders tid.

Hvis man ikke tror på mig, så slutter jeg her med et screendump af Ytree for **hele** BY3604, som det så ud kort efter at jeg havde tilføjet min BigY i september 2016 - altså for 21½ år siden:



At BY3604 træet er vokset så betydeligt på kun 2½ år er dog ikke sket at sig selv - det er et resultat af et målrettet og proaktivt arbejde af undertegnede og senere også at en del af de andre nye BY3604 testere. Vi er i dag en aktiv gruppe, der kontakter hinanden med tips til nye testere, nye metoder osv.

Ens lokale haplotræ bliver, hvad man selv gør det til!

Afslutning

Så har jeg ikke mere at sige om BigY - jeg håber at ovenstående kan være til nytte og hjælpe til at forstå hvorfor BigY er interessant, hvad en BigY kan bruges til og hvordan man bruger den.

Finder man fejl, mangler eller ting, der kunne være forklaret bedre, så skriv til anders.morup@gmail.com. Hvor meget jeg end vil, så har jeg dog ikke tid til at give privat rådgivning, men skulle man have et spørgsmål, som jeg mener har generel interesse, så opdaterer jeg gerne denne guide med svaret.